Bevarandegenetisk analys för den svenska lantrasen Västgötaspets

Mija Jansson
2015-01-12

I det vilda är det viktigt att en art har genetisk variation för att den ska kunna anpassa sig till förändringar i levnadsmiljön, men även för våra husdjur är det viktigt med genetisk variation av ungefär samma anledning – vi kan inte förutsäga vilka krav våra raser kommer att möta i framtiden och utan en variation i rasen riskerar vi i värsta fall att rasen slås ut av exempelvis en ny eller tidigare okänd sjukdom. Att en rasklubb har koll på rasens bevarandegenetiska situation är alltså ett sätt att försöka försäkra sig inför framtiden.

En genetisk flaskhals kallas det i det vilda när en art på grund av en plötslig förändring plötsligt blir väldigt få, till exempel vid en naturkatastrof där de allra flesta individer dör. Alla hundraser har, för evolutionärt sett inte så länge sedan, gått igenom två rejäla genetiska flaskhalsar, dels när vargen blev hund och dels när hundarna blev olika raser. I rasbildningen har ofta oerhört få hundar används och dessa är nu grund för hela hundrasen i fråga. Den genetiska variation som fanns i de få hundar som från början bildade rasen är den maximala som någonsin finns att tillgå. Ny genetisk variation kan egentligen bara tillkomma via mutationer men de är så försvinnande få att det saknar reell betydelse.

Avel med fokus på bevarande skiljer sig från selektiv avel genom att bevarandeaveln syftar till att bevara så mycket som möjligt av den mångfald, i den här rapporten i form av genetisk variation, som finns inom rasen. Selektiv avel syftar till vad man brukar kalla ”förädling”, det vill säga man vill förbättra rasen i fråga på det ena eller andra sättet. Kanske vill man också att alla individer ska vara så lika varandra som möjligt, dessutom? Selektiv avel och likriktning minskar den genetiska variationen inom rasen.

En bevarandegenetisk analys syftar till att utvärdera en ras bevarandegenetiska status – det vill säga att beskriva hur en ras ligger till ur ett bevarandeavelsperspektiv. Resultatet är dels en uppföljning på hur bevarandearbetet i rasen fortskrider men kan också användas för att kartlägga de brister som finns och göra något åt dessa. Exempel på aktiviteter som andra rasklubbar har gjort är:

- ”Månandens hanhund” på hemsidan där man försöker marknadsföra hanar som inte används i avel ännu men som är fulldugliga avelshundar, även om de inte är de framgångsrikaste på utställning, tävling eller vad som nu anses vara viktiga meriter inom rasen.
- Att tydligt informera uppfödare om vilka brister som finns i rasen ur ett bevarandegenetiskt perspektiv och att peka på vikten av att ”gilla olika”.
- Att aktivt kontakta ägare till hundar som är ättlingar till underrepresenterade linjer i rasen och fråga varför de inte använder just dessa genetiskt värdefulla djur i avel (och, naturligtvis, om inga skäl däremot föreligger, uppmuntra dem att göra det).

Metod

Den metod som används för att göra denna bevarandegenetiska analys kallas för pedigreeanlys (det vill säga analys av stamböcker). Denna analys genomförs i huvudsak genom två olika typer av beräkningsmetoder, sannolikhetsberäkningar och ”gene drop”-simuleringar. Det senare innebär helt enkelt att man antar att var och en av rasens founders (founders kallar man de djur man anser har grundat populationen som finns i den aktuella stamboken) har två olika anlag i begynnelsen och sedan ”droppar” simulatorn ned dessa genom stamträdet många gånger (jag brukar använda 10 000 gånger) och det redovisade värdet för exempelvis hur väl representerad en viss founder är i populationen idag är ett genomsnitt av de värden man fått fram i dessa simuleringar. Det finns två olika huvudtyper av mått i en bevarandegenetisk analys, de som är inavelsrelaterade och de som är direkt relaterade till genetisk variation.

Data

Denna analys bygger på data ur databasen: Worldwide Swedish Vallhund - Västgötaspets Pedigree Database, av Leonie Darling. Dock utgår analysen utifrån de 13 hundar som lade grund för SKKs stambok – dessa betraktas alltså som ”founders”, det vill säga starten på stamboken även om viss kunskap finns om några av deras förfäder.

Inavel

Inavelsgraden är sannolikheten att ett anlag ska möta sig själv (samma anlag alltså, inte bara ett likadant) i en ättling. Inavel i sig är alltså, rent teoretiskt, inte farligt men då den utgör just sannolikheten för att samma anlag ska möta sig själva är det i praktiken farligt då risken är större även för skadliga anlag att möta sig själva. Många sjukdomar kommer ur så kallade recessiva anlag – sådana som det behövs två av för att bli sjuk. Om man bara har ett anlag är man inte sjuk och det utgör alltså ingen nackdel i sig. Men genom inavel kan sjuka anlag väldigt snabbt få spridning i en population – då kallas det för inavelsdepression och det är inavelsdepressionen som är det egentliga problemet med inavel. Inavelsdepression är det som gör att det är farligt med inavel.

Inavelssituationen i rasen ligger på i medelvärde 27,02 % vilket är ungefär vad man kan förvänta sig även om det naturligtvis inte är någon låg siffra. 25 % är inavelsgraden vid parning av helsyskon. Det är ungefär samma inavelsnivå som vi ser hos den svenska vargstammen. Det är väldigt svårt att jämföra den reella inavelsgraden mellan raser, det är därför SKK valt att ha exempelvis ett visst antal generationer – för att kunna avgöra vilka raser som är ”bättre” och ”sämre” ur detta avseende. Om man bara tittar till siffran för inavel så är 25 % en hög siffra. Andra raser som jag undersökt på motsvarande sätt och med motsvarande antal generationer har haft 10-20% inavel i sina utökade pedigreer. Man kan alltså inte jämföra med SKKs uträkningar dels då de baserar sig på några få generationer men man lägger till mer information i de utökade databaserna som denna. I alla fall som jag känner till har inavelsgraden ökat med mer information, eftersom det då visar sig att individerna i början av pedigreet är släkt med varandra. Inaveln i en sluten population kommer alltid att öka, det man kan göra är att hålla ned takten inaveln ökar i så mycket som

möjligt. Kom dock ihåg att inavel i sig inte är farligt, utan först inavelsdepressionen är det. Det är alltså viktigt att dels hålla koll på att inavelsökningen inte är onödigt hög (genom att aldrig para djur som är nära släkt med varandra, det vill säga avelsdjur bör vara mindre släkt med varandra än kusiner), dels att hålla koll på eventuella skadliga anlag och se till att dessa inte får spridning i populationen. Om det är möjligt (som vid recessiv nedärvning) är det bra att spåra varifrån anlagen kommer och se till att inte inavla på dessa individer.

Inavelsvärdet, 27%, är beräknat på knappt 17 generationer. Inavelsökningen de senaste två åren är två procentenheter. En inavelsökning på två procentenheter på två år i ett utökat stamträd är normalt. Den höga inavelsnivån beror snarare på hur rasen skötts historiskt. Inaveln kommer att fortsätta öka, det gäller att hålla inavelsökningen så låg som möjligt genom att så långt som möjligt para individer som är så avlägset släkt med varandra som möjligt.

Om man ska jämföra inavelsgrader mellan raser så behöver det vara beräknat på ungefär lika många generationer. Det är bland annat därför SKK väljer att begränsa antalet generationer man beräknar inavelsgraden på. Som jag tidigare påpekat är inavelsgraden ett mått på sannolikheten att samma anlag möter sig själv och därför blir det egentligen missvisande att begränsa antalet generationer som man beräknar denna sannolikhet på. Det kan dock ändå vara intressant att jämföra inavelsgraden mellan raser som jämförelsetal. Nedanstående tabell innehåller värden för inavel och antal generationer för svenska hundraser som hade ungefär lika många generationer i stamträdet som västgötaspetsen år 2012 (då jag gjorde en studie på svenska raser, Jansson och Laikre, publicerat i min avhandling).

Ras	Generationer	Inavelsgrad
Smålandsstövare	10,1	0,06
Hamiltonstövare	10,2	0,07
Svensk lapphund	10,4	0,07
Jämthund	11,1	0,08
Drever	11,3	0,07
Västgötaspets	11,9	0,09

Som synes följer Västgötaspetsens inavelsgradstrend trenden för svenska raser, med avseende på inavelsökning i populationen. Min uppfattning och erfarenhet är att svenska raser generellt har en ganska låg inavelsgradsökning.

Mean kinship (MK), på svenska medelsläktskapsgraden, (vilken är medel-inavelsgraden i nästa generation vid slumpvis parning) ligger på 25,75 procent. Detta innebär att det skulle gå att sänka inavelsgraden med någon procent till nästa generation om detta var den enda faktorn man behövde ta hänsyn till i avelsarbetet och alla individer parade sig med alla. Realistiskt sett ökar inaveln i en sluten population, som sagt, och det gäller att hålla ned inaveln på en så låg nivå som möjligt. För att drastiskt påverka inaveln på ett positivt sätt behöver man hitta ”helt obesläktade” individer – i hundpopulationer handlar det ofta om att

blanda in en annan ras, detta gör man dock inte förrän man har reella problem med inavelsdepression.

Effektiv populationsstorlek

Den effektiva populationsstorleken är hur stor population populationen fungerar som, rent genetiskt. Det är ett sätt att mäta den genetiska generationen i en ras och ger en indikation till uppfödarna hur viktigt det är att låta så många hundar som möjligt gå i avel och hur det ser ut med könskvoten i rasen. Man kan kanske säga att den effektiva populationsstorleken är *motsvarande* hur många hundar av dem man använt i avel som tillför något till rasen med avseende på genetisk variation. Resterande individer kan då betraktas "kopior" av redan befintligt genetiskt material. I hundpopulationer känner vi tyvärr inte till vilka hundar som lever eller ej då detta normalt inte rapporteras till SKK, men för den population som vi antar lever i denna analys, av världens Västgötepopulation (de som är födda inom 12 år från nu) gäller:

Effektiv population: 874,76, detta baseras på 368 hanar och 539 tikar. Det är i teorin ganska enkelt att förbättra den effektiva populationsstorleken – för att utnyttja så mycket som möjligt av variationen av de djur som går i avel ska lika många tikar som hanar användas. I det här fallet skulle vi ha velat ha 454 + 454 istället för 368 + 539.

(Jag har tidigare, 2012, räknat ut den effektiva populationen för enbart den svenska populationen av Västgötaspets – det var bara 314 djur.)

Sammanfattningsvis kan man kanske säga att eftersom hälften av det genetiska materialet i en individ kommer från dess mamma och andra hälften från dess pappa så är det bra om lika många tikar som hanar används i avel om man vill ha så stor spridning på det genetiska materialet som möjligt.

Gene diversity (GD)

GD är ett mått på genetisk variation som hos Västgötaspetsen är 74%. Här är GD uträknat genom att varje founder förses med två alleler som "droppas" slumpmässigt ned genom pedigreet (stamträdet). Denna simulering görs ett stort antal gånger och 74% är medelvärdet för vad som finns kvar (av de ursprungliga allelerna som fanns hos founders, övriga har försvunnit genom inavel och av rena slumpskäl). Siffran motsvarar ungefär 1-MK (mean kinship, medelsläktskapsgrad). Om slumpen inte spelat in alls skulle gendiversiteten vara *exakt* 1-MK. När jag körde 10 000 simuleringar för Västgötaspets fick jag alltså det resultatet – vilket är väntat. För att behålla så mycket som möjligt av gendiversiteten gäller det att hålla nere inaveln på en så låg nivå som möjligt.

Foundergenomekvivalenter (FGE)

Antalet FGE är den andel "fräscha" founders som populationen motsvarar, antalet founder-genom som finns kvar i rasen. Med andra ord det antal obesläktade individer som skulle utgöra samma genetiska variation som den aktuella populationen, så många individer det obesläktade genetiska materialet som finns kvar i rasen skulle räcka till om man lade ihop allt i en och samma hund. För västgötaspets är FGE 1.94, det vill säga knappt motsvarande två hela genom av de ursprungliga 13 founders som grundade populationen finns fortfarande kvar. 85% av foundervariationen har i dagsläget gått förlorad, största delen av denna variation försvann då man slutade använda ättlingar efter vissa founders. Situationen

kan bättras på något genom att använda linjer efter underrepresenterade founders, se nästa stycke.

Potentiellt skulle det gå att få ut 3,75 FGE ur populationen, om den sköttes perfekt då det är summan av vad som finns kvar av founderallelerna.

Founderbidrag

Uträkning av founderbidrag visar hur mycket av generna från rasens olika founders som finns kvar i rasen. *Det är viktigast att använde ättlingar efter de individer som är underrepresenterade.*

Representation: andelen gener i nuvarande population som härstammar från den aktuella foundern.

Allel-retention: sannolikheten att en slumpvis gen från founderindividen alls finns i dagens population.

Namn	Kön	Representation	Allel-retention
Tessy C	Female	0.0001	0.0135
Tessy B	Female	0.003	0.033
Tessy A	Female	0.003	0.0335
Sessan	Female	0.003	0.0445
Jack II	Male	0.003	0.038
Tjappos pappa	Male	0.0119	0.1435
Moppan	Female	0.0267	0.1415
Topsy	Female	0.0407	0.309
Tussi	Female	0.0638	0.36
Lessi	Female	0.176	0.542
Tyra	Female	0.184	0.6475
Tessan	Female	0.2078	0.733
Mopsen	Male	0.2771	0.7155
Summa		1,000	

Värdet av att vårda den genetiska variationen

Då Västgötaspetsen är drabbad av flera åkommor för vilka arvsgången ännu inte är klarlagd (Cushings syndrom, HD etc) är det av yttersta vikt att bevara så mycket genetisk variation som möjligt – genetisk variation är försäkringen mot oförutsedda händelser så som att en genetisk sjukdom exempelvis hastigt sprids i en population. Om alla individer är nära släkt kommer väldigt många att bära anlaget. De founderalleler man har kvar av vad som var början av en population bör man därför försöka vårda väl.